第34卷 第3期 昆 虫 学 报 Vol. 34, No. 3
1991年8月 ACTA ENTOMOLOGICA SINICA Aug., 1991

赫坎按蚊与中华按蚊染色体的比较研究

许濑璧 谭璟宪 薛景珉 孙建新
(第二军医大学寄生虫学教研室，上海 200433)

细胞遗传学是蚊类、特别是按蚊复合种团分类和系统发育研究十分有用的方法之一(White, 1984; Green 等,1984)。采用细胞遗传学方法，结合生化、生活习性、生态和形态分类等技术，已经发现了许多按蚊近似物种的存在 (Kitzmiller, 1976; Coluzzi 等,1979; Stegniy, 1981)，明确鉴别各按蚊近似种，对于制定有效的媒介控制措施有着重要意义。本文比较同属赫坎按蚊种团 (*Anopheles hyrcanus* group) 的两种近似种——赫坎按蚊 (*An. hyrcanus*) 和中华按蚊 (*An. sinensis*) 的唾腺多线染色体、有丝分裂染色体，确定它们在遗传学上的亲缘关系，为赫坎按蚊种团的分类和系统发育的研究提供资料。

材 料 与 方 法

一、蚊种和采集地

赫坎按蚊采自新疆伊宁地区。在农庄的牛、马棚采取饱血雌蚊。鉴定后，经单个饲养收卵，饲养至四龄幼虫。中华按蚊采自上海郊区，为实验室饲养多年的品系。

二、染色体制作

多线染色体制作按 French (1962) 的方法进行。脑有丝分裂染色体的制作采用加热干燥涂片法(许濑璧和谭璟宪,1988)。染色体标本在 OLYMPUS 显微镜的油镜下照相，底片放大倍数为 247.5 倍。挑选20个有丝分裂相，用 IBAS-2 图象分析仪测量染色体各臂长度，并按王子淑(1987)方法对染色体计算和分类。中华按蚊多线染色体 2L 的分区以叶炳辉等(1983)为准，分成 6 区；为了便于比较，作者亦将赫坎按蚊的 2L 臂分成 6 个区。

结 果 与 讨 论

一、有丝分裂染色体　二种按蚊脑有丝分裂染色体双倍体数目都是 6($2n = 6$)，为了与多线染色

表1　两种按蚊有丝分裂染色体核型参数

蚊种	染色体	相对长度(均数±标准差)	着丝粒指数(均数±标准差)	着丝粒类型
中华按蚊	X	30.64+1.64	33.13+3.12	亚中着丝粒
	Y	29.42+1.84	35.85+2.08	亚中着丝粒
	II	33.00+1.42	48.13+0.97	中着丝粒
	III	36.82+1.38	43.12+2.03	中着丝粒
赫坎按蚊	X	30.25+1.94	31.36+3.22	亚中着丝粒
	Y	26.22+1.48	24.05+2.15	亚端着丝粒
	II	33.36+1.45	48.78+0.85	中着丝粒
	III	36.39+1.90	43.02+2.28	中着丝粒

本文于1989年4月收到。

体的命名相呼应，将性染色体定为 I，较短的常染色体定为 II，较长的定为 III，染色体照片见图 1，各项参数见表 1。

中华按蚊的 XY 均为亚中着丝粒染色体，II、III 号均为中着丝粒染色体，但 II 号着丝粒明显大于 III 号、相对长度小于 III 号。赫坎按蚊的 X 为亚中着丝粒染色体，Y 为亚端着丝粒染色体，II、III 号与中华按蚊类同。综合上述，两种按蚊最显著的差异是 Y 染色体，其相对长度、着丝粒指数都有明显不同（$p<0.05$）。

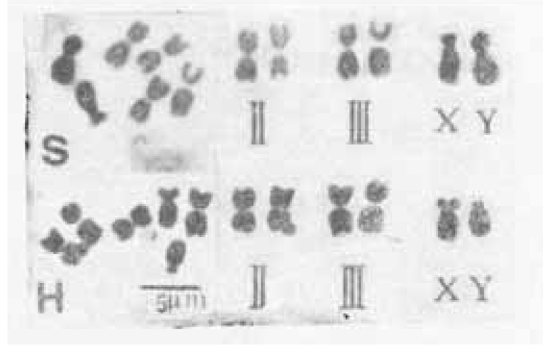


图 1　二种按蚊染色体核型
S：中华按蚊染色体核型　H：赫坎按蚊染色体核型

有丝分裂染色体的研究尽管在库蚊亚科的分类中作用不大，但在按蚊属的分类研究中有一定的价值（White，1984）。本研究赫坎按蚊与中华按蚊可通过 Y 染色体明显差异而区分的结论表明：有丝分裂染色体核型的研究在赫坎按蚊种团的分类研究中是有应用价值的，它可作为一种辅助手段。

二、唾腺多线染色体　鉴于中华按蚊多线染色体已有多篇报道，本文不再描述，仅将两种按蚊的不同点加以叙述。

实验中观察了 100 个雌性中华按蚊多线染色标本和 45 个赫坎按蚊雌性多线染色体标本。经过逐条带纹反复比较，发现这两种按蚊在多线染色体上有着广泛的同源性，主要区别是：2L 臂上存在着一个臂内倒位。中华按蚊的倒位断裂点是 21A、16B；赫坎按蚊的倒位断裂点为 21A、16C，即中华按蚊从 21A—16B 的带纹与赫坎按蚊 21A—16C 的带纹相同、但排列序列完全相反，结果见图 2。X、2R、3R、3L 的带纹二种按蚊未见明显差异。

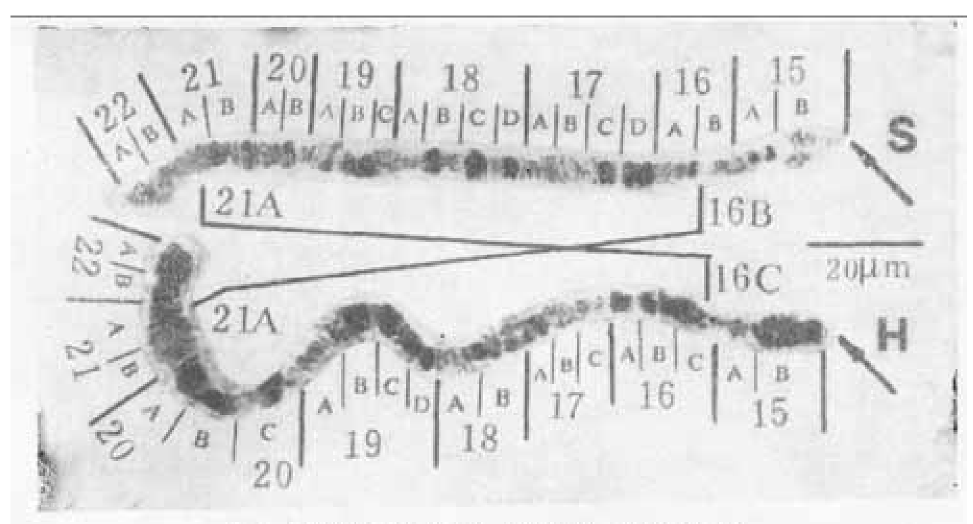


图 2　中华按蚊与赫坎按蚊在多线染色体 2L 臂上的倒位
S：中华按蚊；H：赫坎按蚊，箭头表示染色体臂的着丝粒端

赫坎按蚊种团在我国分布广、物种数量多、形态变异复杂、与疾病关系密切，在种团的划分以及一些新种是否成立的问题上一直存在着不同意见（许锦江和冯兰洲，1975；马素芳，1981；缪建吾等，1988）。多线染色体的研究将会给这些问题的解决提供又一条途径。通过比较多线染色体的差异，特别是发现种间臂内倒位的存在，不仅可以说明有无生殖隔离的遗传基础，又可根据各种倒位重排，分析这些近似种之间的亲缘关系，这在无法用外形特征来鉴别的按蚊各近似种的分类研究中起重要作用（Coluzzi 等，

1979; Stegniy, 1981)。本文研究结果表明，赫坎按蚊与中华按蚊在遗传特征上有着十分密切的亲缘关系，它们可能主要由于 2L 臂上的倒位差异而成为生殖隔离的独立种。此外，作者还观察到，嗜人按蚊(*An. anthropophagus*)与中华按蚊的主要差异也是在 2L 臂上存在着一个固定倒位。

参　考　文　献

马素芳　1981　我国中华按蚊种团的研究，包括四新种。动物学集刊　第一集　第 59—70 页。科学出版社。

王子淑　1987　人类体细胞染色体组型分析。人体及动物细胞遗传学实验技术　第 95—98 页。四川大学出版社。

叶炳辉等　1983　中华按蚊幼虫唾腺染色体的进一步研究。遗传学报 **10**(6): 489—92。

许锦江、冯兰洲　1975　我国赫坎按蚊类群的研究。昆虫学报 **18**(1): 77—98。

许溆璧、谭璟宪　1988　中华按蚊染色体核型、C 带及 G 带的特征。第二军医大学 **9**(6): 559—63。

缪建吾等　1988　中国赫坎按蚊类群的六种按蚊的杂交和染色体的观察。动物学研究 **9**(3): 231—7。

Coluzzi, M. A. et al. 1979 Chromosomal differentiation and adaptation to human environments in the *Anopheles gambiae* complex. *Tran.* R. *Soc. Trop. Med. Hyg.* 73: 483—97.

French, W. L. et al. 1962 Preparation of mosquito chromosomes. *Mosq. News.* 22: 377—83.

Green, C. A. et al. 1984 Cladistic analysis of polytene chromosome rearrangement in anopheline mosquitos, subgenus *Cellia,* series *Neocellia. Can. J. Genet. Cytol.* 27: 123—33.

Kitzmiller, J. B. 1976 Genetics, cytogenetics, and evolution of mosquitoes. *Advance in genetics,* 18: 315—433.

Stegniy, V. N. 1981 Genetical foundation of evolution of the malarial mosquitoes *Anopheles maculipennis* complex I. Chromosomal phylogenetic relation. *Zoologicheskii Zhurnal.* 60(1): 69—77. (Ru)

White, G. B. 1984 Need and progress in application of new techniques to mosquito identification. In: *Tropical disease research series No.* 5. Eds: B. N. Newton and S. Michal pp. 293—332.

A COMPARATIVE STUDY OF THE CHROMOSOMES OF *ANOPHELES HYRCANUS* AND *ANOPHELES SINENSIS*

Xu Shu-bi　Tan Jing-xian　Xue Jing-min　Sun Jian-xin

(*Dept. of Parasitology, Second Military Medical University, Shanghai* 200433)